

Studies on genetic divergence of catalase genes in plants

著者	Iwamoto Masao
内容記述	Thesis (Ph. D. in Science)--University of Tsukuba, (B), no. 1604, 2000.3.24 Includes bibliographical references (p. 45-52)
発行年	2000
URL	http://hdl.handle.net/2241/5389

氏 名 (本 籍)	いわもとまさお 岩 本 政 雄 (福 岡 県)
学 位 の 種 類	博 士 (理 学)
学 位 記 番 号	博 乙 第 1604 号
学位授与年月日	平成 12 年 3 月 24 日
学位授与の要件	学位規則第 4 条第 2 項該当
審 査 研 究 科	生物科学研究科
学 位 論 文 題 目	Studies on Genetic Divergence of Catalase Genes in Plants (高等植物におけるカタラーゼ遺伝子の多様性に関する研究)
主 査	筑波大学教授 農学博士 田 仲 可 昌
副 査	筑波大学教授 理学博士 小 熊 譲
副 査	筑波大学教授 理学博士 鎌 田 博
副 査	筑波大学教授 理学博士 漆 原 秀 子

論 文 の 内 容 の 要 旨

カタラーゼはすべての好気性生物がもっている酵素で、有害な活性酸素の 1 つである過酸化水素を分解し無毒化する反応を触媒する。高等植物では、カタラーゼは遺伝子群を形成していて、イネやトウモロコシなどで 3 つの遺伝子が報告されている。本研究は、高等植物の進化に伴ってカタラーゼ遺伝子がどのように多様化してきたか、ひいては高等植物の進化の過程を理解することを目的としている。

まず、高等植物カタラーゼ遺伝子の進化の過程について調べた。これまでに報告されているエキソン-イントロン構造の比較から、高等植物カタラーゼ遺伝子は 7 つのイントロンをもつ祖先遺伝子から由来し、進化の過程で遺伝子の重複といくつかのイントロンの欠失を生じて現在の遺伝子群を形成したと推察された。一方、栽培イネ *Oryza sativa* のカタラーゼ遺伝子 *CatA* では、レトロポゾン *p-SINE1* 由来と考えられるイントロンを持っていた。レトロポゾンがイントロン化したことを示す報告は、これが最初である。イネ科植物の PCR 解析から、1) オオムギ、コムギなどのイチゴツナギ亜科に属する植物種はイントロンを持たないこと、2) *p-SINE1* 由来と思われるイントロンはイチゴツナギ亜科の共通祖先種とイネの祖先種とが分岐した後に、イネの祖先種の *CatA* に挿入されたことが考えられた。

次に、*p-SINE1* 由来と思われる *CatA* のイントロン (*p-SINE1-like intron*) によるイネ属植物及びその近縁種の *CatA* の系統解析を行った。イネ属植物の解析の結果、*p-SINE1-like intron* は調べた AA ゲノムを持つすべてのイネに含まれていた。その他のゲノム型を有するイネではイントロンは含まれていなかった。*p-SINE1-like intron* を含む PCR 産物の塩基配列を用いた *CatA* の分子系統樹から、AA ゲノムイネの *CatA* はアジア/オセアニアのイネの *CatA* とアフリカのイネの *CatA* に分けられ、前者はさらに *O. sativa* の *CatA* とアジア/オセアニア野生イネの *CatA* に分けられた。また、イネ属植物の近縁種の解析から、近縁種の *Leersia perrieri* はアフリカ野生イネ *O. longistaminata* C101214 系統のものと同じ塩基配列をもつイントロンを含むことがわかり、*p-SINE1-like intron* はイネ属と *Leersia* 属が分岐する前にすでに挿入されていたものと推測された。

さらに、*CatA* の近傍領域の塩基配列についてホモロジーサーチを行い、すべてのイネ属植物の *CatA* の系統解析を行う上で適した指標となる転移因子があるかどうか調べた。その結果、*CatA* の上流域中に転移因子の 1 つの *Tourist* (*Tourist-CatA*) があることを発見した。この因子を解析したところ、*O. longistaminata* を除く AA ゲノムを

有するイネでは *O.sativa* と同じ長さの *Tourist-CatA* が検出された。一方, *O.longistaminata* と AA ゲノム以外のゲノム型を有するイネでは, 一部欠失した *Tourist-CatA* を待っていた。分子系統樹を作成したところ, イネ属植物の *CatA* は 4 つのクラスターに分けられ, *O.longistaminata* と他の AA ゲノムイネの間にイネ属植物共通祖先種の *CatA* が位置付けられた。

本研究から, *CatA* はイネ属植物の進化に伴って多様化してきたことが示された。また一方で, *CatA* の系統解析から今までに明らかでなかったイネ属植物の進化の過程を示すことができた。

審 査 の 結 果 の 要 旨

カタラーゼは細胞内で有害な副産物として発生する過酸化水素を分解する酵素の 1 つで, 生物にとって重要な酵素である。また, この酵素は好気性生物に広く存在していることから, 進化について調べる上で適したタンパク質であるといえる。

本研究では, エキソン-イントロン構造に注目して, 高等植物カタラーゼ遺伝子の進化の過程について推測している。また, イネカタラーゼ遺伝子 *CatA* のイントロンや近傍領域に存在する 2 つの転移因子を指標として, イネ属植物の *CatA* の系統関係について調べている。レトロポゾン由来と考えられるイントロンの存在を示唆したことは, イントロンの起源を探る上で非常に興味深い。また, 転移因子を指標とした *CatA* の系統解析の結果から, イネ属植物の進化の過程について推察を加えている。これらの知見は高等植物のカタラーゼ遺伝子及びイネ属植物の進化研究において, 新しい視点を与えるものである。

よって, 著者は博士 (理学) の学位を受けるに十分な資格を有するものと認める。